2020年度 バイオサイエンスにおけるビッグデータ (4064)

■ 授業科目基本情報

科目区分	専門科目	**教職科目**	理科
単位数	1	**選択・必修・自由**	選択
授業形態	講義	**主な使用言語**	英語
開講時期	III	**履修登録システム**	使用する
履修登録期間	2020/10/14～2020/11/04	**履修取消期限**	2020/11/17

■ 教育プログラム別の履修区分

プログラム名	IS	CB	BS	BN	MS	CP	DS
履修区分	△	○	○	○	△	△	□
コア科目	–	–	–	–	–	–	C
履修方法	・修士論文研究又は特別課題研究を履修する場合は、基盤科目及び専門科目から12単位以上履修すること。 ・課題研究を履修する場合は、基盤科目及び専門科目から14単位以上履修すること。 ・コア科目の履修方法については、入学年次の教育課程表の（2）履修方法を参照すること。						

■ 授業科目概要

担当責任教員	森　浩禎
担当教員	森浩禎
教育目的／学修到達目標	ゲノム研究がもたらした技術革新は21世紀に入り、システム生物学、合成生物学と新たな方向へと急速に展開されてきた。そこから生み出される研究成果は生物学としての蓄積から医療、物質生産、環境保全など幅広い分野での応用技術へと急速な広がりをみせている。本科目ではバイオサイエンス領域におけるビッグデータの利用について俯瞰し、包括的に理解することを目標とする。
授業概要／指導方針	まず、バイオサイエンスにおけるビッグデータ利用について概説し、具体的なデータソースの入手法などを学ぶ。さらにDNA配列、タンパク質、代謝物、文献、医療情報などのデータベースの歴史と現状を理解しの歴史と現状を理解し、オントロジーや機械学習によるデータ活用技術を学ぶ。さらに現在進行中のプロジェクトとして1000人ゲノムプロジェクト、マイクロバイオームプロジェクトを取り上げて紹介する。

■ 授業計画

[1限目 9:20-10:50] [2限目 11:00-12:30] [3限目 13:30-15:00] [4限目 15:10-16:40] [5限目 16:50-18:20] [6限目 18:30-20:00]

回数	日付 [時間]	担当教員	テーマ	内容
1	11/13 [2]	河野 暢明	マルチオミクス解析が解き明かす生命のデザイン（河野 暢明・慶應大学）	ゲノム、トランスクリプトミクス、プロテオミクス、メタボロミクスを組み合わせたマルチオミクスアプローチは、分子生物学分野に膨大なデータを提供して来ました。本講演では「実験室進化」と「タンパク材料」に関する研究を例に、オミックスデータから解明された生命のデザイン性についてお話します。
2	11/17 [2]	荒木 通啓	学習によるデータ活用　(荒木通啓・京都大学)	取り扱うデータサイズの急激な増大に伴い、情報処理技術は必須のものとなっている。解析技術の現状を学び、解析から解釈への今後を考える。

3	11/19 [2]	小長谷 明彦	分子ロボット：生命と機械式ロボットを繋ぐ人工物（小長谷 明彦・東工大）	DNAナノ技術を駆使することにより、機械式ロボットと同じように感覚と知能と運動機能を備えた「分子ロボット」を創ることが可能となってきた。本講義では分子ロボットの過去10年間の歴史について述べる。
4	11/24 [2]	荒川 和晴	TBA	TBA
5	11/26 [2]	坂田 恒昭	医薬品業界における新しいトレンド（坂田 恒昭・大阪大学）	近年医薬品業界においてはその生産性の低さを改善し、研究開発の効率化を進めようとする動きが活発に行われている。その例として大規模な投資からオープンイノベーションへの転換、医師中心から患者中心へ、治療薬提供はもちろんであるが患者のQOL実現も含めた取り組み、治療薬と診断薬、予防薬との組み合わせなどが挙げられる。大きな期待として挙げられるのがICTを用いた動きでビッグデータ、機械学習などへの取り組みである。欧米では既にGoogle、Apple、Amazonなどがメガファーマと協業してライフサイエンス分野に進出している。またpatients like meのように患者とその家族がSNSサイトを利用して情報交換を行っている。一方我が国においてはこの分野で大きく立ち遅れている。特に、医療データを統合して産業化にいかに役立てるかが大きな課題として残っている。本講義では日本において、今後患者中心の医療をどう実現していくか、またゲノム、オミックス情報をいかに標準化の下に統合していくかを概説する。
6	11/30 [2]	長神 風二	東北メディカル・メガバンク計画　～震災復興、ビッグデータから次世代医療基盤の構築まで～（長神 風二・東北大学）	東北メディカル・メガバンク計画は2012年に宮城・岩手両県で始められたプロジェクトで、15万人を超えるコホート調査からバイオバンクを形成し、既に約5,000人分の全ゲノム解析や、数万人分のメタボローム解析を完了すると共に、構築している膨大なデータのシェアリングを開始している。講義では計画の概要を伝えると共に、ビッグデータの利活用における課題と展望を考える機会としたい。
7	12/2 [2]	油谷 幸代	大量定量データからの意味抽出（油谷幸代・産総研）	本講義では生物学のビッグデータ解析の一つとして遺伝子発現データの解析手法について説明します。近年の実験技術の進展により、遺伝子発現データはDNAチップやRNA-Seqという様々な実験的手法で測定され、そこからどのような知見を見出すかが重要な課題となっています。遺伝子発現データは1サンプル（条件）だけで解析することは少なく、複数のデータを統合的に解析するため、多変量解析という手法が使用されます。本講義では多変量解析を使った解析手法について理論から実際の解析例を紹介します。
8	12/4 [2]	谷内江 望	DNAイベントレーコーディング生物学(NozomuYachie,TheUniversityofBritishColumbia)	動物の発生や腫瘍形成において異なる細胞群がどのように協奏して発展するのかはよくわかっていない。複雑な生命システムの分子プロファイルや細胞プロファイルを観察しようとする場合は細胞や動物を犠牲にしなければならない。したがって、観察時刻における対象の状態を調べることはできてもそれが時間発展においてどのような複雑な動態を示すのかはわからない。生物のゲノムDNAはA、C、G、Tの4文字から構成され、デジタル情報媒体と捉えることができる。本講義では細胞に埋め込まれたDNAテープに細胞内外のイベント情報を経時的に書き込んでいくDNAイベントレコーディングシステムの開発が哺乳動物の発生過程など、複雑な生命システムの動態を解析するのに有効であること、及びその技術進展について解説する。

■ 授業日程

[1限目 9:20-10:50] [2限目 11:00-12:30] [3限目 13:30-15:00] [4限目 15:10-16:40] [5限目 16:50-18:20] [6限目 18:30-20:00]

回数	日付	時間	講義室	備考
1	11/13	2	L2（IS）	
2	11/17	2	L2（IS）	

3	11/19	2	L2(IS)	
4	11/24	2	L2(IS)	
5	11/26	2	L2(IS)	
6	11/30	2	L2(IS)	
7	12/2	2	L2(IS)	
8	12/4	2	L2(IS)	

■ テキスト・参考書

テキスト	特に指定しない。
参考書	細胞の分子生物学　原書第5版(ニュートンプレス) Practical Bioinformatics (Garland Science)

■ その他

履修条件	特になし
オフィスアワー	Eメールで連絡の上、日時を決める
成績評価の方法と基準	・5段階(秀・優・良・可・不可)で評価する。 ・評価は、毎回のミニテスト(50%)、期末レポート(50%)によって行う。 ・バイオサイエンスにおけるビッグデータ解析の基本概念の理解、専門知識の習得を基準とする。
関連科目	特になし
関連学位	理学、工学、ﾊﾞｲｵｻｲｴﾝｽ
注意事項	特になし